

Identificação de SNPs na população F₂ SCA6 x ICS1 para obtenção de marcas associadas à resistência do cacaueiro a vassoura-de-bruxa

Lemos, LSL¹; Gramacho, KP¹; Santos, RMF¹; Clement, D^{1,3}; Santos, SF¹; Ganem, RS¹; Lima, L¹; Sousa, LA¹; Braz, NGR¹; Gesteira, AS²; Pires, JL¹; Micheli, F^{2,3}

¹ CEPEC, CEPLAC

² Departamento de Ciências Biológicas, Universidade Estadual de Santa Cruz

³ CIRAD-BIOS, UMR DAP

livinhalima@yahoo.com.br

Palavras-chave: Microssatélites, polimorfismo, EST-SSR, SSR genômicos, *Theobroma cacao*

A vassoura-de-bruxa causada pelo fungo *Moniliophthora perniciosa* é a doença de maior impacto na cacauicultura no Brasil. Sua principal forma de controle é a utilização de clones resistentes, porém é preciso aumentar a base genética nos plantios comerciais para que se tenha uma resistência mais duradoura. O principal objetivo do Programa de Melhoramento do Cacaueiro do CEPEC/CEPLAC é a piramidação de diferentes genes de resistência, visando aumentar a eficiência e a durabilidade da resistência (PIRES et al., 1996). O objetivo deste estudo foi a busca de polimorfismos de nucleotídeos únicos (SNPs) em genes de resistência a vassoura-de-bruxa, com o intuito de aplicar o mais diretamente possível o resultado dos estudos moleculares à seleção de cacaueiros duravelmente resistentes a *M. perniciosa*. Os SNPs são resultantes de mutações pontuais e se definem como um loco para o qual encontramos dois alelos em uma frequência mínima de 1%. A partir de 153 genes de resistência identificados na biblioteca de TSH1188, foram desenhados 73 *primers* para identificação e validação de SNPs na população F₂ SCA6 x ICS1 por seqüenciamento do produto de PCR amplificado. Inicialmente foi feita a otimização da temperatura de 38 *primers*. Esses *primers* foram amplificados e seqüenciados nos progenitores SCA6 e ICS1, na F1 TSH516 e no TSH1188. Dos 38 *primers*, 16 foram seqüenciados, sendo 9 monomórficos e 7 polimórficos. O resultado do seqüenciamento foi analisado através do programa CLUSTAL W, onde foi possível a obtenção de 286 SNPs; uma proporção de aproximadamente 51 SNPs para cada gene de resistência onde foi detectado SNP. Foram encontrados SNPs em importantes genes de defesa, como o Cf9_Rapidly Elicited protein, Disease resistance protein, Beta 1,3 – glucanase, e o maior número de SNPs foi encontrado no gene Pathogenesis-related protein 4B, com 112 SNPs. Este resultado é bastante promissor considerando que SNPs identificados por seqüenciamento, normalmente já se encontram validados. Conclui-se que a identificação de SNPs em *Theobroma cacao* mostra-se uma ferramenta promissora para a geração de marcas relacionadas à resistência a vassoura-de-bruxa.